植 物 分 类 学 报 45 (2): 227–233(2007)
Acta Phytotaxonomica Sinica

doi:10.1360/aps06093
http://www.plantsystematics.com

分子证据支持蓝药蓼和大铜钱叶蓼归入冰岛蓼属

[1]刘明珍 [1]周忠泽* [2]邱英雄 [1]孙 伟 [1]董 翔

[1](安徽大学生命科学学院生态工程与生物技术重点实验室 合肥 230039)
[2](浙江大学生命科学学院植物系统进化与生物多样性实验室 杭州 310029)

Transferring of *Polygonum cyanandrum* and *P. forrestii* to *Koenigia* according to molecular evidence

[1]LIU Ming-Zhen [1]ZHOU Zhong-Ze* [2]QIU Ying-Xiong [1]SUN Wei [1]DONG Xiang

[1](*Anhui Key Laboratory of Eco-Engineering and Bio-Technique*, *School of Life Sciences, Anhui University*, Hefei 230039, China)
[2](*Laboratory of Systematic & Evolutionary Botany and Biodiversity, College of Life Sciences, Zhejiang University*,
Hangzhou 310029, China)

Abstract It has been debated whether two *Polygonum* species, *P. cyanandrum* Diels and *P. forrestii* Diels, should be transferred to *Koenigia*. In the present paper, nucleotide variations of the chloroplast *atp*B-*rbc*L noncoding spacer were examined for these two species and related representatives from the Polygonaceae. The *atp*B-*rbc*L spacer region varies among sampled species with a range from 753 to 902 bp, and the great variation in this region provides enough information for evaluating the phylogenetic relationships of the two investigated species. In contrast to the view that these two species belong to *Polygonum*, our phylogenetic analyses based on these molecular data showed that *P. cyanandrum* and *P. forrestii* were nested within a well supported clade including *Koenigia islandica*; the other three *Polygonum* species grouped with species of different genera. These results suggest that the two species should be transferred to *Koenigia* from *Polygonum,* and that phylogenetic relationships among *Polygonum* and related genera need to be further investigated with increased taxon sampling and gene markers. The resulting phylogeny is consistent with the previous suggestions based on pollen and chromosome investigations. The generic circumscription between *Koenigia* and *Polygonum* is also discussed in light of these results in combination with gross morphology.

Key words Polygonaceae, *atp*B-*rbc*L, *Polygonum cyanandrum*, *Polygonum forrestii*, *Koenigia*.

摘要 蓝药蓼*Polygonum cyanandrum* Diels和大铜钱叶蓼*P. forrestii* Diels是否应归于冰岛蓼属*Koenigia*至今未得到很好的解决。本文利用叶绿体DNA的*atp*B-*rbc*L序列来评价这两个物种的亲缘关系和属的归属。对这两个物种以及相关代表种的*atp*B-*rbc*L序列分析发现，该片段的长度有较大的变异，从753 bp到902 bp；存在丰富的系统发育变异位点。系统发育分析表明：蓝药蓼和大铜钱叶蓼与冰岛蓼*K. islandica*聚为支持率较高的分支。而蓼属*Polygonum*代表种和其他属的代表种组成另外的分支，表明这两个种应置于冰岛蓼属。这一结果与花粉和染色体证据相吻合。根据这些证据以及形态学特征，还对冰岛蓼属与蓼属的范围与界定进行了讨论。

关键词 蓼科; *atp*B-*rbc*L序列; 蓝药蓼; 大铜钱叶蓼; 冰岛蓼属

2006-06-12 收稿, 2006-12-07 收修改稿。
基金项目: 国家自然科学基金资助(30670151) (Supported by the National Natural Science Foundation of China, Grant No. 30670151)。

* 通讯作者(Author for correspondence. E-mail: zhzz@mars.ahu.edu.cn)。

蓼科Polygonaceae蓼族Polygoneae的属间关系一直存在争议，特别是在种类繁多的蓼属*Polygonum* L.与其卫星属(如冰岛蓼属*Koenigia* L.等)之间属间界限的划分方面(Steward, 1930; Hedberg, 1997; 李安仁, 1998; 吴征镒等, 2003)。一些学者认为冰岛蓼属只含模式种——冰岛蓼*K. islandica* L. (Steward, 1930; Roberty & Vautier, 1964; Tutin et al., 1991; 李安仁, 1998); 而另外一些学者则认为蓼属的部分种类也应置于冰岛蓼属中，如：Hedberg (1946, 1997)认为蓼属部分种的花粉外壁纹饰与冰岛蓼一致，从而建议应将这些种类转移到冰岛蓼属中。Měsíček和Soják (1973)发现具有冰岛蓼花粉类型的部分蓼属种类，如大铜钱叶蓼*P. forrestii* Diels和铜钱叶蓼*P. nummularifolium* Meisn.的染色体基数(x=7)也与冰岛蓼相同，而和蓼属的主要种类的x=10或者11存在显著区别；从而进一步支持将这些种作为冰岛蓼属的成员。冰岛蓼的花粉外壁纹饰为刺状，而典型蓼属分叉蓼组*Polygonum* L. sect. *Aconogonon* Meisn.种类外壁纹饰则为微刺-穿孔型。除上述作者提到的部分种类外，最近的研究表明，另外一些蓼属种类如蓝药蓼*P. cyanandrum* Diels也具有冰岛蓼的刺状花粉类型(周忠泽等, 2004)。因此，目前存在的关键问题是：是否应以花粉类型作为这两属之间的属间界限，并将蓼属中具有冰岛蓼花粉类型的种类转移到冰岛蓼属中？由于孢粉学结果还得到了已有的染色体证据的支持，因而利用分子生物学方面的数据来验证这一假设具有重要的意义。

由于蓼科植物形态特征相对单一，一些系统发育与进化问题仍然未得到很好的解决。近年来，利用分子生物学方法，特别是利用叶绿体基因组相关序列来研究该科的系统发育以及形态特征进化取得了重要进展。Inamura等(2000)研究了叶绿体DNA基因间隔区序列在蓼科蓼属种内(*P. cuspisatum* Houtt.)的变异及其与该物种冰期时期居群变迁的关系；Yamane等(2003)利用多个叶绿体DNA片段研究了荞麦*Fagopyrum esculentum* Moench野生居群多倍化的起源。Frye和Kron (2003)利用叶绿体*rbc*L序列研究了整个蓼科的系统发育以及形态特征的演化。酸模属*Rumex* L.的染色体变异和属内繁育系统变异比较大，Navajas-Pérez等(2005)利用叶绿体和核DNA序列构建了该属的系统发育，发现分子系统发育与以前假设的染色体基数进化趋势相一致，并能很好反映该属繁育系统的进化。Wang等(2005)利用叶绿体*trn*L-F序列研究了大黄属*Rheum* L.的系统发育，发现部分形态学特征(如苞片)和花粉类型(Yang et al., 2001)都可能存在趋同进化。利用叶绿体DNA片段来研究其他植物类群的系统发育以及种内变异也有较多报道(如王玉金等, 2004; 张茜等, 2005; 侯鑫等, 2006; 王亚玲等, 2006)。植物叶绿体*atp*B-*rbc*L间隔区序列变异比较大(Chiang, 1994)，而该序列在蓼科系统发育研究中的应用未见报道。本文测定了蓝药蓼和大铜钱叶蓼以及相关类群的*atp*B-*rbc*L序列，试图对这两个种的归属以及蓼属与冰岛蓼属的属间界限进行进一步讨论。

1 材料和方法

1.1 实验材料及其来源

我国有蓼科植物13属235种37变种。本实验共选取7属11种，主要选取与大铜钱叶蓼和蓝药蓼关系较近的一些属的模式种及代表种进行研究。种类的鉴定以及分类处理根据

《中国植物志》(李安仁, 1998)。材料及其来源详见表1，凭证标本存于安徽大学植物标本室(AHU)。

表1 材料来源
Table 1 Origin of materials studied

分类群 Taxon	采集地 Locality	凭证标本 Voucher	序列号 GenBank Accession No.	长度 Size (bp)
冰岛蓼 *Koenigia islandica* L.	云南德钦 Dêqên, Yunnan	周忠泽 (Z. Z. Zhou) 05391 (ANU)	DQ539668	812
蓝药蓼 *Polygonum cyanandrum* Diels	云南德钦 Dêqên, Yunnan	周忠泽 (Z. Z. Zhou) 05422 (ANU)	DQ539663	801
大铜钱叶蓼 *P. forrestii* Diels	云南德钦 Dêqên, Yunnan	周忠泽 (Z. Z. Zhou) 05334 (ANU)	DQ539669	812
萹蓄 *P. aviculare* L.	安徽合肥 Hefei, Anhui	刘明珍 (M. Z. Liu) 05410 (ANU)	DQ539667	876
窄叶火炭母 *P. chinense* L. var. *paradoxum* (Lévl.) A. J. Li	云南大理 Dali, Yunnan	刘明珍 (M. Z. Liu) 05162 (ANU)	DQ539664	836
西伯利亚蓼 *P. sibiricum* Laxm.	云南中甸 Zhongdian, Yunnan	万和文 (H. W. Wan) 05564 (ANU)	DQ539670	892
何首乌 *Fallopia multiflora* (Thunb.) Harald.	安徽合肥 Hefei, Anhui	刘明珍 (M. Z. Liu) 05400 (ANU)	DQ539660	753
金线草 *Antenoron filiforme* (Thunb.) Rob. & Vaut.	安徽金寨 Jinzai, Anhui	周忠泽 (Z. Z. Zhou) 05671 (ANU)	DQ539666	830
竹节蓼 *Homalocladium platycladum* (F. Muell.) Bailey	云南昆明 Kunming, Yunnan	刘明珍 (M. Z. Liu) 05620 (ANU)	DQ539662	902
虎杖 *Reynoutria japonica* Houtt.	云南昆明 Kunming, Yunnan	刘明珍 (M. Z. Liu) 05305 (ANU)	DQ539661	880
皱叶酸模 *Rumex crispus* L.	云南德钦 Dêqên, Yunnan	孙伟 (W. Sun) 05278 (ANU)	DQ539665	887

1.2 总DNA的提取

取各种植物的硅胶干燥叶片0.1 g，用Fastprep (Bio101, USA)粉碎，采用改良CTAB法(Doyle & Doyle, 1987)提取总DNA。

1.3 序列扩增、纯化和测序

PCR扩增反应体系为50 μL: 10×缓冲液(无Mg^{2+}) 5 μL, dNTP (5 μmol/L) 1 μL, $MgCl_2$ 4 μL，引物L、H (20 μmol/L)各0.5 μL,模板1 μL (25 mmol/L), *Taq*酶0.5 μL (5 unit/μL)，加重蒸水补足50 μL。以重蒸水代替模板DNA做一份空白对照实验。PCR扩增程序为: (1) 94 ℃预变性4 min; (2) 94℃变性45 s; (3) 49 ℃退火75 s; (4) 72 ℃延伸75 s; (5)重复(2)–(4)步骤共30个循环; (6)循环结束后, 72 ℃保温10 min，反应结束，产物置4 ℃保存。所用引物为H: 5'ACA TCK ART ACK GGA CCAATA A3', L: 5'AAC ACC AGC TTT RAA TCC AA3'。PCR扩增产物经Geneclean法(Sangon公司)纯化后，送上海生工Megabase 1000测序仪直接测序，为保证所测序列的准确性，分别对每一种类的*atp*B-*rbc*L序列的正、反链进行测序并校准。

1.4 外类群的选择

由于所研究的对象均为蓼科蓼亚科subfam. Polygonoideae的植物，故选取了酸模亚科subfam. Rumicoideae酸模属的皱叶酸模*R. crispus*作为外类群。

1.5 序列数据分析

本文所测得序列采用Sequencher (4.0.5版)和CLUSTAL X (1.5 b) 进行排序，经手工适当调整后，利用PAUP *4.0b10 (Swofford, 2002)软件对序列进行统计及分支分析。在分析中，空位(gap)作为缺失(missing)状态分析，最简约一致树(consensus tree)采用启发式搜索(heuristic search)寻找，并用自展分析(bootstrap)检验系统树各分支的内部支持率(1000次重复)。

2 结果

排列后的*atp*B-*rbc*L序列总长为980 bp，种间差异很大。对1088个位点进行分析，其中变异位点为196个，非信息位点145个。用最大简约法寻找得到一棵最简约树，最简约树长度为447步，一致性指数(*CI*)和维持性指数(*RI*)分别为0.875和0.810。自展分析所获得的严格一致树各分支的支持率如图1所示，各分支均得到较高的自展分析支持(>50%)。结果显示，以皱叶酸模为外类群，所研究的10个种类被分为两大支：窄叶火炭母*P. chinense* var. *paradoxum*和金线草*Antenoron filiforme*首先形成一亚分支(自展分析值100%)，它们和冰岛蓼*Koenigia islandica*、蓝药蓼*P. cyanandrum*与大铜钱叶蓼*P. forrestii*组成的分支构成了姊妹群(自展分析值94%)；虎杖*Reynoutria japonica*、何首乌*Fallopia multiflora*、竹节蓼*Homalocladium platycladum*、萹蓄*P. aviculare*、西伯利亚蓼*P. sibiricum*聚成另一分支，在该分支中虎杖和何首乌首先形成一亚分支(自展分析值70%)，然后再和竹节蓼聚在一起(自展分析值94%)。

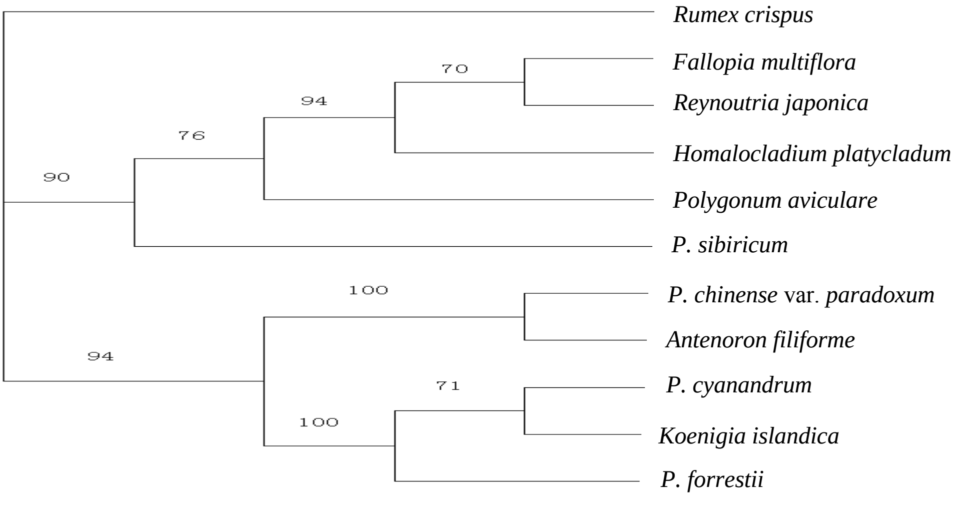

图1 以皱叶酸模为外类群，基于*atp*B-*rbc*L序列分析构建的10种蓼科植物的最简约系统树

Fig. 1. The strict consensus tree generated from *atp*B-*rbc*L sequences of 10 species in the Polygonaceae. *Rumex crispus* is designated as the outgroup. Gaps are treated as missing data. The tree is 447 steps long, with *CI* =0.875 and *RI* =0.810. Numbers above the branches are bootstrap values.

3　讨论

Hedberg (1946)最早指出蓼属中的部分种类(如大铜钱叶蓼等)与冰岛蓼的花粉外壁纹饰一致, 具有典型的刺状纹饰; 而蓼属的典型种类花粉外壁纹饰则为微刺-穿孔型。这一发现也为后来的研究所证实(Hedberg, 1997; 周忠泽等, 2004)。他们进一步建议应将蓼属中具有冰岛蓼型花粉外壁纹饰的种类从该属中分离出来, 作为冰岛蓼属的成员。本文选择了两种具有此花粉类型的种类作为代表来进行分子系统学研究。从分子系统发育树图(图1)来看, 蓝药蓼首先和冰岛蓼聚在一起, 然后再和大铜钱叶蓼聚成单系分支(自展分析值100%); 另外3种蓼属植物显然不是这一分支的成员。这一结果表明蓝药蓼、大铜钱叶蓼所代表的具有冰岛蓼型花粉纹饰的蓼属种类应该置于冰岛蓼属; 从而支持一些学者长期建议的广义冰岛蓼属的概念(Samuelsson, 1930; Hedberg, 1946, 1997; Löve & Sarkar, 1957; Hara, 1966; Měsíček & Soják, 1973; Ronse De Craene & Akeroyd, 1988; 周忠泽, 2004)。广义冰岛蓼属除具有刺状的花粉纹饰以外, 目前已经研究物种的染色体数目$2n=28/14$, 染色体基数$x=7$; 不同于蓼属其他种类的染色体基数$x=10$或11(Hedberg, 1946, 1997; Měsíček & Soják, 1973)。这一类群的花柱为2–3、很短(小于0.3 mm), 柱头为头状、棍棒状, 很小(直径小于0.1 mm); 而蓼属其他物种的花柱很长, 柱头为头状或者纽扣状。此外, 从生境上看, 广义冰岛蓼属的物种主要分布在高山, 而蓼属其他种分布的海拔相对较低。

冰岛蓼属的姊妹支包括金线草和蓼属头状蓼组sect. *Cephalophilon* Meisn.的窄叶火炭母(图1)。金线草属的代表种金线草的花粉形态(张小平, 周忠泽, 1998)与冰岛蓼属支的大铜钱叶蓼和铜钱叶蓼花粉很相似, 如花粉都为球形, 萌发孔为12散沟, 辐射对称。但是, 窄叶火炭母所属的头状蓼组的花粉却同这些种显然不同: 绝大多数种的萌发孔为3沟, 外壁纹饰为粗网状。从形态学上来看, 金线草属与窄叶火炭母所属的头状蓼组在形态上主要表现为柱头虽都为头状, 但它们之间存在一定的区别: 金线草花柱为2, 果时伸长, 硬化, 顶端呈钩状; 而窄叶火炭母的花柱为3, 花柱果时不伸长, 不硬化, 顶端不呈钩状。由于本文对金线草属和蓼属头状蓼组的取样种类都十分有限, 窄叶火炭母以及头状蓼组的种类是否应包括在金线草属中还有待进一步研究。值得注意的是金线草属支与冰岛蓼属支的亲缘关系十分近, 是否将广义冰岛蓼属的概念进一步扩大, 包括进冰岛蓼属支及其姊妹支所组成的这一大支的物种仍然是值得研究的内容。

此外, 我们的系统发育分析得到的另一大分支分别由虎杖、何首乌、竹节蓼以及蓼属的萹蓄和西伯利亚蓼组成; 并且, 蓼属的两个典型物种位于该分支基部。这一结果不支持将虎杖、何首乌和竹节蓼独立为属(Adanson, 1763; Houttuyn, 1777; 李安仁, 1998; 吴征镒等, 2003), 并与部分学者已有的研究结果是相吻合的。如Steward (1930)认为何首乌属*Fallopia* Adans.部分种以及虎杖属*Reynoutria* Houtt.的花被片具龙骨状突起或具翅外, 花部其他特征与多数蓼属种类的一致, 建议将它们作为蓼属蔓蓼组*Polygonum* sect. *Tiniaria* Meisn.的成员处理。Ronse De Craene和Akeroyd (1988)详细比较了虎杖属与何首乌属的形态学特征, 发现二者的雄蕊排列式样一致, 花被片背面均具翅, 花被片的脉序

为羽状，并且何首乌和虎杖能够相互杂交，认为至少虎杖属和何首乌属应作为一个属来处理。Frye和Kron (2003)对广义蓼属多个物种*rbc*L序列的研究分析也表明：虎杖属和竹节蓼属*Homalocladium* Bailey是蓼属中的自然成员。这一支可能代表了蓼属的主要种类，与冰岛蓼属-金线草属支的区别是：染色体基数x=10或者11，花粉外壁纹饰为微刺-穿孔型或细网状；而后者已研究物种的染色体基数x=7，花粉则有刺状或者粗网状等类型。这两支的形态性状如花被片数目以及花柱形状等则出现相互交叉。由于花粉和形态学特征在蓼科的部分属中存在与生态环境相关的趋同或者适应性进化(Yang et al., 2001; Wang et al., 2005)，染色体基数可能才是区分这两支的关键性状，花粉性状则可能在这些类群中存在平行进化，但在某些亚分支(如冰岛蓼-蓝药蓼-大铜钱叶蓼支)中则有可能是一次起源的，具有系统学意义。以后更多的研究应集中在调查更多种类的染色体基数，加大每一分支分子系统发育研究的种类，对本文的一些初步结论进行进一步验证， 并对形态学特征进行仔细观察以寻找更多支持这些结论的分类学性状。我们的结果显然表明，按现在冰岛蓼属和蓼属之间的划分概念，蓝药蓼和大铜钱叶蓼应置于冰岛蓼属中。

参考文献

Adanson M. 1763. Familles des plantes. Paris. 2: 277.

Chiang T Y. 1994. Phylogenetics and evolution of the Hylocomiaceae (Mosses, Hypnales) based on sequences of nrDNA *ITS* and cpDNA *atp*B-*rbc*L spacer. Ph.D. Dissertation. St. Louis: Department of Biology, Washington University.

Doyle J J, Doyle J L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf material. Phytochemical Bulletin 19: 11–15.

Frye A S L, Kron K A K. 2003. *rbc*L phylogeny and character evolution in Polygonaceae. Systematic Botany 28: 326–332.

Hara H. 1966. The Flora of Eastern Himalaya. Tokyo: University of Tokyo Press.

Hedberg O. 1946. Pollen morphology in the genus *Polygonum* L. s.lat. and its taxonomical significance. Svensk Botanisk Tidskrift 40: 371–404.

Hedberg O. 1997. The genus *Koenigia* L. emend. Hedberg (Polygonaceae). Botanical Journal of the Linnean Society 124: 295–330.

Hou X (侯鑫), Liu J-E (刘俊娥), Zhao Y-Z (赵一之), Zhao L-Q (赵利清). 2006. Interspecific relationships of *Caragana microphylla*, *C. davazamcii* and *C. korshinskii* (Leguminosae) based on ITS and *trn*L-F data sets. Acta Phytotaxonomica Sinica (植物分类学报) 44: 126–134.

Houttuyn F. 1777. Natuurlyke Historie. Amsterdam. 2 (8): 640.

Inamura A, Ohashi A, Sato E, Yoda Y, Masuzawa T, Ito M, Yoshinaga K. 2000. Intraspecific sequence variation of chloroplast DNA reflecting variety and geographical distribution of *Polygonum cuspisatum* (Polygonaceae) in Japan. Journal of Plant Research 113: 419–426.

Li A-R (李安仁). 1998. Polygonaceae. In: Flora Reipublicae Popularis Sinicae (中国植物志). Beijing: Science Press. 25 (1): 1–237.

Löve A, Sarkar P. 1957. Chromosome and relationships of *Koenigia islandica.* Canadian Journal of Botany 35: 507–514.

Měsíček J, Soják J. 1973. Karyological and taxonomic observations on *Dracocephalum foetidum* Bunge and *Koenigia islandica* L. Folia Geobotanica et Phytotaxonomica (Praha) 8: 105–112.

Navajas-Pérez R, de la Herrán R, González G L, Jamilena M, Lozano R, Rejón C R, Rejón M R, Garrido-Ramos M A. 2005. The evolution of reproductive systems and sex-determining mechanisms within *Rumex* (Polygonaceae) inferred from nuclear and chloroplastidial sequence data. Molecular Biology and Evolution 22: 1929–1939.

Roberty G, Vautier S. 1964. Les genres de Polygonacees. Boissiera 10: 7–128.

Ronse De Craene L P, Akeroyd J R. 1988. Generic limits in *Polygonum* and related genera (Polygonaceae) on the basis of flora characters. Botanical Journal of the Linnean Society 98: 321–371.

Samuelsson G. 1930. Plantae sinense, a dre. H. Smith annis 1921–1922 lectae. XX. Polygonaceae. Acta Horti

Gothoburgenses 5: 1–11.

Steward A N. 1930. The Polygoneae of Eastern Asia. Contributions from the Gray Herbarium of Harvard University 5 (88): 1–129.

Swofford D L. 2002. PAUP* 4.0: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*, and other methods). Beta version 4.0 b10. Sunderland: Sinauer Associates.

Tutin T G, Buges B A, Chater A D. 1991. Flora Europaea. Cambridge: Cambridge University Press. 1: 91–98.

Wang A L, Yang M H, Liu J Q. 2005. Molecular phylogeny, recent radiation and evolution of gross morphology of the rhubarb genus *Rheum* (Polygonaceae) inferred from chloroplast DNA *trn*L-F sequences. Annals of Botany 96: 489–498.

Wang Y-J (王玉金), Li X-J (李小娟), Hao G (郝刚), Liu J-Q (刘建全). 2004. Molecular phylogeny and biogeography of *Androsace* (Primulaceae) and the convergent evolution of cushion morphology. Acta Phytotaxonomica Sinica (植物分类学报) 42: 481–499.

Wang Y-L (王亚玲), Li Y (李勇), Zhang S-Z (张寿洲), Yu X-S (余兴生). 2006. The utility of *mat*K gene in the phylogenetic analysis of the genus *Magnolia*. Acta Phytotaxonomica Sinica (植物分类学报) 44: 135–147.

Wu C-Y (吴征镒), Lu A-M (路安民), Tang Y-C (汤彦承), Chen Z-D (陈之端), Li D-Z (李德铢). 2003. The Families and Genera of Angiosperms in China, a Comprehensive Analysis (中国被子植物科属综论). Beijing: Science Press. 164–168.

Yamane K, Yasui Y, Ohnishi O. 2003. Intraspecific cpDNA variation of diploid and tetraploid perennial buckwheat, *Fagopyrum cymosum* (Polygonaceae). American Journal of Botany 90: 339–346.

Yang M H, Zhang D M, Zheng J H, Liu J Q. 2001. Pollen morphology and its systematic and ecological significance in *Rheum* (The rhubarb genus, Polygonaceae) from China. Nordic Journal of Botany 21: 411–418.

Zhang Q (张茜), Yang R (杨瑞), Wang Q (王钦), Liu J-Q (刘建全). 2005. Phylogeography of *Juniperus przewalskii* (Cupressaceae) inferred from the chloroplast DNA *trn*T-*trn*F sequence variation. Acta Phytotaxonomica Sinica (植物分类学报) 43: 503–512.

Zhang X-P (张小平), Zhou Z-Z (周忠泽). 1998. A Study on Pollen Morphology and Its Phylogeny of Polygonaceae in China (中国蓼科花粉的系统演化). Hefei: Press of University of Science and Technology of China. 1–235.

Zhou Z-Z (周忠泽), Zhang X-P (张小平), Xu R-X (许仁鑫). 2004. Pollen morphology of *Koenigia* from China. Acta Phytotaxonomica Sinica (植物分类学报) 42: 513–523.